

5      ttg ctc aaa gat agc tcc cca gaa gat ctc att gcc ggt gtt cgc gat 569  
       Leu Leu Lys Asp Ser Ser Pro Glu Asp Leu Ile Ala Gly Val Arg Asp  
           110                                   115                                   120

10      gcc gcg cgg gga gaa tca gtg ctt tca aag cag gtc gcc agc aag atc 617  
       Ala Ala Arg Gly Glu Ser Val Leu Ser Lys Gln Val Ala Ser Lys Ile  
           125                                   130                                   135

15      atg ggg cgg atg aac aac ccc atg act gct ctc agt gcc aga gaa att 665  
       Met Gly Arg Met Asn Asn Pro Met Thr Ala Leu Ser Ala Arg Glu Ile  
           140                                   145                                   150                                   155

20      gaa gtg ctg tcc ttg gtg gcg caa ggg caa agc aat aga gaa atc ggc 713  
       Glu Val Leu Ser Leu Val Ala Gln Gly Gln Ser Asn Arg Glu Ile Gly  
                                   160                                   165                                   170

25      aag aaa ctt ttc ctc act gag gcc acg gtg aaa agt cac atg ggg cat 761  
       Lys Lys Leu Phe Leu Thr Glu Ala Thr Val Lys Ser His Met Gly His  
                                   175                                   180                                   185

30      gtg ttc aac aag ctg gat gtc acc tct aga aca gct gcg gta gct gaa 809  
       Val Phe Asn Lys Leu Asp Val Thr Ser Arg Thr Ala Ala Val Ala Glu  
                                   190                                   195                                   200

35      gcc aga cag cgc gga att atc tagacgcaca cgtgttggtgta accgatcaca 860  
       Ala Arg Gln Arg Gly Ile Ile  
           205                                   210

40      ccagcgcacg ctgctaattct tcactccatg aacaagggtgc agcgcaggtc actgatggcg 920  
       ttgtgcatga cgggtggcatt tgctggagga agcctgaccg cgtgcacacc tcgtcctgat 980  
       accgcagacc ccatcgcaga ggaattcctt caagcttgagg catcgcaaga tt 1032

45      <210> 2  
       <211> 210  
       <212> PRT  
       <213> Corynebacterium glutamicum

50      <400> 2  
       Met Ile Arg Ile Leu Leu Ala Asp Asp His Pro Val Val Arg Ala Gly  
           1                                   5                                   10                                   15

55      Leu Ala Ser Leu Leu Val Ser Glu Asp Asp Phe Glu Ile Val Asp Met  
           20                                   25                                   30

60      Val Gly Thr Pro Asp Asp Ala Val Ala Arg Ala Ala Glu Gly Gly Val  
           35                                   40                                   45

65      Asp Val Val Leu Met Asp Leu Arg Phe Gly Asp Gln Pro Gly Ile Glu  
           50                                   55                                   60

70      Val Ala Gly Gly Val Glu Ala Thr Arg Arg Ile Arg Ala Leu Asp Asn  
           65                                   70                                   75                                   80

75      Pro Pro Gln Val Leu Val Val Thr Asn Tyr Ser Thr Asp Gly Asp Val  
           85                                   90                                   95

Val Gly Ala Val Ser Ala Gly Ala Val Gly Tyr Leu Leu Lys Asp Ser  
 100 105 110

5 Ser Pro Glu Asp Leu Ile Ala Gly Val Arg Asp Ala Ala Arg Gly Glu  
 115 120 125

Ser Val Leu Ser Lys Gln Val Ala Ser Lys Ile Met Gly Arg Met Asn  
 130 135 140

10 Asn Pro Met Thr Ala Leu Ser Ala Arg Glu Ile Glu Val Leu Ser Leu  
 145 150 155 160

15 Val Ala Gln Gly Gln Ser Asn Arg Glu Ile Gly Lys Lys Leu Phe Leu  
 165 170 175

Thr Glu Ala Thr Val Lys Ser His Met Gly His Val Phe Asn Lys Leu  
 180 185 190

20 Asp Val Thr Ser Arg Thr Ala Ala Val Ala Glu Ala Arg Gln Arg Gly  
 195 200 205

Ile Ile  
 210

25

<210> 3  
 <211> 323  
 30 <212> DNA  
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>  
 <223> lysR3int

35

<400> 3  
 gatgtggtgt tgatggatct gcgttttggg gatcaaccag gcatcgaggt cgccggcggg 60  
 gtagaggcaa cgcgtcgcat ccgtgcgctg gacaaccgc cacaggtact ggtggtgacc 120  
 aactactcca cagacggcga tgtggtgggc gcagtatctg ctggtgccgt ggggtatttg 180  
 40 ctcaaagata gctccccaga agatctcatt gccggtgttc gcgatgccgc gcggggagaa 240  
 tcagtgtttt caaagcaggt cgccagcaag atcatggggc ggatgaacaa ccccatgact 300  
 gctctcagtg ccagagaaat tga 323

45

Folgende Figuren sind beigelegt:

Figur 1: Karte des Plasmids pCR2.1lysR3int.

Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende Bedeutung.

KmR: Kanamycin Resistenz-Gen

EcoRI: Schnittstelle des Restriktionsenzym EcoRI

lysR3int: internes Fragment des lysR3-Gens

ColE1 ori: Replikationsursprung des Plasmids ColE1

## Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine für das lysR3-Gen kodierende Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
  - 5 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
  - 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens zu 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
  - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
  - 15 d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b), oder c),  
  
wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität des Transkriptionsregulators LysR3 aufweist.
- 20 2. Polynukleotide gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine in coryneformen Bakterien replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.
3. Polynukleotide gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine RNA ist.
- 25 4. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2 enthaltend
  - (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder